

NOTABREVE

VARIABILIDAD GENÉTICA DE BOVINOS CRIOLLOS DE PERÚ  
UTILIZANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

GENETIC VARIABILITY OF CRIOLLO CATTLE OF PERU USING  
MICROSATELLITE MARKERS

Aquino Y.N., E.A. Veli, E. Rivas Seoane, V. Rivas Palma y R. Estrada

Instituto Nacional de Investigación Agraria INIA. Av. La Molina n° 1981. Casilla N° 2791. La Molina. Lima 12. Perú. dnirrgg@inia.gob.pe

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Caracterización molecular. Dendrogramas. Parámetros genéticos.

ADDITIONAL KEYWORDS

Molecular characterization. Dendrograme. Genetic parameters.

RESUMEN

Se analizaron un total de 326 bovinos Criollos procedentes de las regiones de Puno, Ayacucho y Junín, con el objetivo de conocer la variabilidad genética de estas poblaciones. Se utilizaron cinco iniciadores microsatélites: BM1818, BM1824, ETH225, ILSTS005 e ILSTS006; identificándose un total de 27 alelos. La heterocigosidad esperada total fue de 0,7; se reportan los de resultados del análisis de frecuencias alélicas y diferenciación genética.

SUMMARY

We analyze a total of 326 Criollo cattle from the regions of Puno, Ayacucho and Junín in order to investigate the genetic variability of these populations. Five DNA microsatellites markers (DNA-SSR) were used (BM1818, BM1824, ETH225, ILSTS005 and ILSTS006). We identified 27 alleles with these microsatellites markers. The total expected heterocigosity was 0.7; it is also reported the results of the allele frequencies analysis and genetic differentiation.

INTRODUCCIÓN

El bovino Criollo en el Perú se origina del ganado vacuno introducido por los españoles a mitad del siglo XVI, habiéndose, mantenido puro con ciertas características según ecosistemas donde se ha adaptado;

y en otros casos, con diferentes grados de cruzamiento con las razas Holstein y Brown Swiss.

Los bovinos Criollos juegan un rol importante en el ingreso familiar y la seguridad alimentaria de los campesinos de la sierra peruana. Sin embargo, su baja productividad está produciendo su erosión genética, por cruza mal planificadas con razas exóticas. Por ello, es de interés conocer la variabilidad genética de estas poblaciones, por ser portadoras de genes utilitarios y de uso potencial en programas de mejoramiento para el desarrollo de planes de conservación y uso sostenible, y contribuir a una mejor calidad de vida de las comunidades campesinas. Este trabajo tiene como objetivo contribuir al conocimiento de la estructura genética de las poblaciones de bovinos Criollos empleando marcadores moleculares microsatélites.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se colectaron muestras de sangre de bovinos Criollos y se extrajo el ADN de 326 muestras procedentes de tres regiones del Perú: Puno (117), Ayacucho (105) y Junín (104). El análisis molecular se llevó a cabo

Recibido: 3-6-06. Aceptado: 20-7-06.

Arch. Zootec. 57 (219): 337-340. 2008.

## AQUINO, VELI, RIVAS SEOANE, RIVAS PALMA Y ESTRADA

empleando cinco iniciadores microsatélites: BM1818, BM1824, ETH225, ILSTS005 e ILSTS006; la amplificación se realizó en un termociclador MJ Research (PTC 200) en un volumen final de 10  $\mu$ l conteniendo: 0,2 mM de dNTPs, 0,75 pmol de cada iniciador, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 1x de buffer de amplificación y 10 ng de ADN. Las condiciones de amplificación fueron: 94°C por 10 s; una primera etapa de 4-5 ciclos a 94°C por 45 s, 57-62°C por 60 s y 70°C por 60 s; la segunda etapa fue de 19-20 ciclos a 89°C por 45 s, 57-62°C por 60 s y 70°C por 60 s; extensión final a 72°C por 10 min. Los productos de amplificación se separaron en geles de poliacrilamida al 6 p.100 con urea 7M y se visualizaron empleando la tinción argéntica.

Las frecuencias alélicas se calcularon por recuento directo de alelos y el cálculo del contenido de información polimórfica (PIC) con el algoritmo:  $PIC=1-\sum p_i^2$  (donde  $P_i$  es la frecuencia alélica del  $i$ ésimo alelo); los parámetros genéticos ( $H_{ei}$ ,  $H_{et}$  y  $F_{st}$ ) se calcularon mediante los algoritmos de Nei a partir de los F estadísticos descritos por Wright citados por Zucchi (2002).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectó polimorfismo con los cinco iniciadores utilizados (**tabla I**), siendo el mayor valor de contenido de información polimórfica (PIC) para ILSTS006 (0,79) y el valor más bajo para ILSTS005 (0,45); de todos los iniciadores usados, se identificó un total de 27 alelos con un valor de heterocigosidad promedio total de 0,70. A pesar de que se utilizaron cinco iniciadores, la heterocigosidad total resultó ligeramente mayor a la reportada por Burriel *et al.* (1999) ( $H_e=0,564-0,681$ ), quien utilizó 30 iniciadores en su análisis de seis razas de ganado vacuno español (279 animales).

En la **tabla I**, se observa un promedio de 5 alelos por *locus* para cada población; las tres poblaciones de bovinos Criollos mostraron similar número de alelos para los cinco *locus* estudiados; Puno se diferenci

en dos alelos con respecto a lo encontrado en poblaciones de las regiones de Ayacucho y Junín.

El número de alelos identificados por *locus*, fue el mismo para los iniciadores BM1824 (4) e ILSTS005 (2), resultado coincidente con lo reportado en las poblaciones de bovinos Criollos de Argentina (Zamorano *et al.*, 1998) y la raza bovina Canaria (Zamora *et al.*, 2004); mientras que el número de alelos para BM1818 (7) y ETH225 (6) se encontró en el rango reportado en bovinos europeos (Grzybowski, 2004; MacHugh *et al.*, 1994; Bishop, 1994), el iniciador ILSTS006 presentó 8 alelos a diferencia de los 7 reportados por Brezinsky *et al.* (1993) en bovinos europeos.

La probabilidad promedio estimada de que dos alelos seleccionados al azar en un individuo dado sean diferentes (H) resultó mayor en la región Puno, a pesar de tener menos alelos que en las poblaciones de bovinos Criollos de las regiones de Ayacucho y Junín, debido a que en Puno la frecuencia de alelos es más equilibrada que lo encontrado en Ayacucho y Junín (**figura 1**).

La frecuencia de alelos exclusivos por población resultó baja; en la región de Junín se encontraron 2 alelos, uno correspondiente al iniciador BM1818 (1) y el otro para el iniciador ETH225 (5); en la región

**Tabla I.** Contenido de información polimórfica (PIC), número de alelos y heterocigosidad media esperada ( $H_{ei}$ ), por población. (Polymorphic information content (PIC), allele number and mean heterozygosity expected (Hei)).

Código SSR	Región			Total alelos	PIC
	Puno	Junín	Ayacucho		
BM1818	5	6	6	7	0,76
BM1824	4	4	4	4	0,721
ETH225	5	6	5	6	0,76
ILSTS005	2	2	2	2	0,451
ILSTS006	7	7	8	8	0,79
Total	23	25	25	27	
Hei	0,7020	0,6705	0,6729	-	-

VARIABILIDAD GENÉTICA DE BOVINOS CRIOLLOS DE PERÚ

**Tabla II.** Parámetros genéticos entre poblaciones de bovinos Criollos. (Genetic parameters between Criollo cattle populations).

	Ayacucho	Junín
Puno	Hei=0,6863 Het=0,7031 Fst=0,0239	Hei=0,6875 Het=0,6933 Fst=0,0083
Ayacucho	-	Hei=0,6717 Het=0,6922 Fst=0,0296

Hei: Heterocigosidad esperada media; Het: heterocigosidad esperada total; Fst: índice de fijación entre poblaciones.

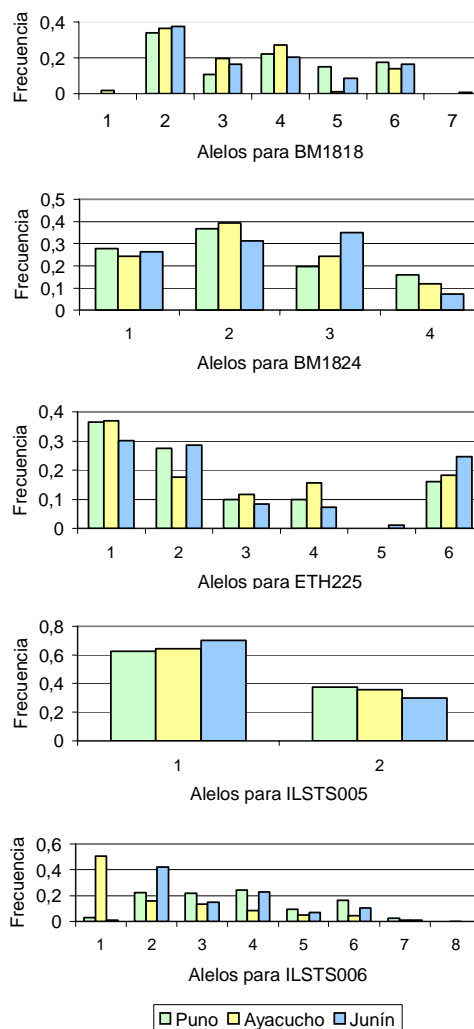
Ayacucho también se encontraron 2 alelos exclusivos, uno con el iniciador BM1818 (3) y otro con el iniciador ILSTS006 (8) (figura 1).

Las poblaciones de bovinos Criollos de las regiones de Ayacucho y Junín presentaron frecuencias particulares de alelos que pueden utilizarse como marcadores característicos (figura 1). En el caso de la población de Ayacucho estos alelos fueron: alelo 5 del iniciador BM1818 y alelos 1 y 4 del iniciador ILSTS006; en la región de Junín los alelos fueron: alelo 3 del iniciador BM1824 y alelo 2 del iniciador ILSTS006. Sin embargo, en la región Puno no se observaron diferencias notorias en la frecuencia de alelos con respecto a las demás poblaciones.

La diferenciación genética a nivel de poblaciones es baja ( $F_{st}=0,0273$ ), esto puede atribuirse al origen común del bovino Criollo peruano (Primo, 1992), así como al paralelismo existente entre las razas criollas americanas y las razas autóctonas españolas (Fernández y Barba, 2005); considerando además el sistema de manejo tradicional practicado en estas regiones, donde no hay intervención del hombre en la selección propiamente dicha y el cruce es al azar.

Al comparar la diferenciación genética

entre las poblaciones de las regiones estudiadas (tabla II), el valor menor de diferenciación se encuentra entre Puno y Junín ( $F_{st}=0,01$ ), sugiriendo que estas dos zonas presentan alelos comunes y de similar frecuencia, lo cual se observa en la figura 1; y el valor mayor se encontró entre las regiones de Ayacucho y Junín ( $F_{st}=0,03$ ), a



**Figura 1.** Frecuencia de alelos por locus en las poblaciones de bovinos Criollos. (Allele frequencies of locus in Criollo cattle populations).

AQUINO, VELI, RIVAS SEOANE, RIVAS PALMA Y ESTRADA

pesar de la cercanía geográfica entre estas regiones.

La heterocigosidad esperada total (diversidad) resultó semejante cuando se comparó la población total de las regiones de Puno-Ayacucho, con respecto al total de Puno-Junín y Junín-Ayacucho (**tabla II**).

La información preliminar generada en

este trabajo, a través de marcadores microsatélites podría contribuir al conocimiento de la genética poblacional de los bovinos Criollos del Perú, a los que se considera como un recurso marginal por tratarse de poblaciones no bien definidas y poco estudiadas, a pesar de las cualidades ya mencionadas al inicio de este trabajo.

BIBLIOGRAFÍA

- Burriel, M., E. García-Muro and P. Zaragoza. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.*, 30: 177-182.
- Brezinsky, L., S.J. Kemp and A.J. Teale. 1993. ILSTS006: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.*, 24: 73.
- Bishop, M.D., S.M. Kappes, J.W. Keele, R.T. Stone, S.L.F. Sunden, G.A. Hawkins, S.S. Toldo, R. Fries, M.D. Grosz, J. Yoo and C.W. Beattie. 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics*, 136: 619-639.
- Fernández, J.A. y C. Barba. 2005. Paralelismo entre las razas criollas americanas y las razas autóctonas españolas. *Arch. Zootec.*, 54: 135-139.
- Grzybowski, G. and B. Prusak. 2004. Genetic variation in nine European cattle breeds as determined on the basis of microsatellite markers. III. Genetic integrity of the Polish Red cattle included in the breeds preservation programme. *Anim. Sci. Papers and Reports*, 22: 45-56.
- MacHugh, D.E., R.T. Loftus, D.G. Bradley, P.M. Sharp and P. Cunningham. 1994. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Roy. Soc. of London*, 256: 25-31.
- Primo, A.T. 1992. El ganado bovino Ibérico en las Américas: 500 años después. *Arch. Zootec.*, 41: 421-432.
- Zamora, M., R. Ginés, J.M. Afonso, M. Reig, L. García y M.J. Zamorano. 2004. Caracterización genética de la raza bovina Canaria utilizando microsatélites: estudio preliminar. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 12 (Supl. 1): 12-15.
- Zamorano, M.J., E.R. Género, A. Rodero, J.L. Vega-Pla y F.J. Rumiano. 1998. Caracterización genética de ganado bovino Criollo argentino utilizando microsatélites. *Arch. Zootec.*, 47: 273-277.
- Zucchi, M.I. 2002. Análisis de la estructura genética de *Eugenia dysenterica* DC utilizando marcadores RPD e SSR. Tesis de Doctorado. Escuela Superior de Agricultura Luz de Queiroz. Universidad de Sao Paulo. Brasil. p 148.